



SEQUENCE LISTING

<110> Barany, Francis
Cao, Weiguo
Tong, Jie

<120> HIGH FIDELITY THERMOSTABLE LIGASE AND USES THEREOF

<130> 19603/2615

<140> 09/830,502

<141> 1999-10-29

<150> 60/106,461

<151> 1998-10-30

<150> PCT/US99/25437

<151> 1999-10-29

<160> 24

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 674

<212> PRT

<213> Thermus sp.

<400> 1

Met Thr Leu Glu Glu Ala Arg Arg Arg Val Asn Glu Leu Arg Asp Leu
1 5 10 15

Ile Arg Tyr His Asn Tyr Leu Tyr Tyr Val Leu Asp Ala Pro Glu Ile
20 25 30

Ser Asp Ala Glu Tyr Asp Arg Leu Leu Arg Glu Leu Lys Glu Leu Glu
35 40 45

Glu Arg Phe Pro Glu Leu Lys Ser Pro Asp Ser Pro Thr Glu Gln Val
50 55 60

Gly Ala Arg Pro Leu Glu Ala Thr Phe Arg Pro Val Arg His Pro Thr
65 70 75 80

Arg Met Tyr Ser Leu Asp Asn Ala Phe Ser Leu Asp Glu Val Arg Ala
85 90 95

Phe Glu Glu Arg Ile Glu Arg Ala Leu Gly Arg Lys Gly Pro Phe Leu

100						105						110					
Tyr	Thr	Val	Glu	Arg	Lys	Val	Asp	Gly	Leu	Ser	Val	Asn	Leu	Tyr	Tyr		
115						120						125					
Glu	Glu	Gly	Ile	Leu	Val	Phe	Gly	Ala	Thr	Arg	Gly	Asp	Gly	Glu	Thr		
130						135						140					
Gly	Glu	Glu	Val	Thr	Gln	Asn	Leu	Leu	Thr	Ile	Pro	Thr	Ile	Pro	Arg		
145						150						155					
Arg	Leu	Thr	Gly	Val	Pro	Asp	Arg	Leu	Glu	Val	Arg	Gly	Glu	Val	Tyr		
165						170						175					
Met	Pro	Ile	Glu	Ala	Phe	Leu	Arg	Leu	Asn	Gln	Glu	Leu	Glu	Glu	Ala		
180						185						190					
Gly	Glu	Arg	Ile	Phe	Lys	Asn	Pro	Arg	Asn	Ala	Ala	Ala	Gly	Ser	Leu		
195						200						205					
Arg	Gln	Lys	Asp	Pro	Arg	Val	Thr	Ala	Arg	Arg	Gly	Leu	Arg	Ala	Thr		
210						215						220					
Phe	Tyr	Ala	Leu	Gly	Leu	Gly	Leu	Glu	Glu	Thr	Gly	Leu	Lys	Ser	Gln		
225						230						235					
His	Asp	Leu	Leu	Leu	Trp	Leu	Arg	Glu	Arg	Gly	Phe	Pro	Val	Glu	His		
245						250						255					
Gly	Phe	Thr	Arg	Ala	Leu	Gly	Ala	Glu	Gly	Val	Glu	Glu	Val	Tyr	Gln		
260						265						270					
Ala	Trp	Leu	Lys	Glu	Arg	Arg	Lys	Leu	Pro	Phe	Glu	Ala	Asp	Gly	Val		
275						280						285					
Val	Val	Lys	Leu	Asp	Asp	Leu	Ala	Leu	Trp	Arg	Glu	Leu	Gly	Tyr	Thr		
290						295						300					
Ala	Arg	Thr	Pro	Arg	Phe	Ala	Leu	Ala	Tyr	Lys	Phe	Pro	Ala	Glu	Glu		
305						310						315					
Lys	Glu	Thr	Arg	Leu	Leu	Ser	Val	Ala	Phe	Gln	Val	Gly	Arg	Thr	Gly		
325						330						335					
Arg	Ile	Thr	Pro	Val	Gly	Val	Leu	Glu	Pro	Val	Phe	Ile	Glu	Gly	Ser		
340						345						350					
Glu	Val	Ser	Arg	Val	Thr	Leu	His	Asn	Glu	Ser	Phe	Ile	Glu	Glu	Leu		

355		360		365
Asp Val Arg Ile Gly Asp Trp Val Leu Val His Lys Ala Gly Gly Val				
370		375		380
Ile Pro Glu Val Leu Arg Val Leu Lys Glu Arg Arg Thr Gly Glu Glu				
385		390		395
				400
Lys Pro Ile Ile Trp Pro Glu Asn Cys Pro Glu Cys Gly His Ala Leu				
	405		410	415
Ile Lys Glu Gly Lys Val His Arg Cys Pro Asn Pro Leu Cys Pro Ala				
	420		425	430
Lys Arg Phe Glu Ala Ile Arg His Tyr Ala Ser Arg Lys Ala Met Asp				
	435		440	445
Ile Gln Gly Leu Gly Glu Lys Leu Ile Glu Lys Leu Leu Glu Lys Gly				
	450		455	460
Leu Val Arg Asp Val Ala Asp Leu Tyr Arg Leu Lys Lys Glu Asp Leu				
	465		470	475
				480
Val Asn Leu Glu Arg Met Gly Glu Lys Ser Ala Glu Asn Leu Leu Arg				
	485		490	495
Gln Ile Glu Glu Ser Lys Gly Arg Gly Leu Glu Arg Leu Leu Tyr Ala				
	500		505	510
Leu Gly Leu Pro Gly Val Gly Glu Val Leu Ala Arg Asn Leu Ala Leu				
	515		520	525
Arg Phe Gly His Met Asp Arg Leu Leu Glu Ala Gly Leu Glu Asp Leu				
	530		535	540
Leu Glu Val Glu Gly Val Gly Glu Leu Thr Ala Arg Ala Ile Leu Asn				
	545		550	555
				560
Thr Leu Lys Asp Pro Glu Phe Arg Asp Leu Val Arg Arg Leu Lys Glu				
	565		570	575
Ala Gly Val Glu Met Glu Ala Lys Glu Arg Glu Gly Glu Ala Leu Lys				
	580		585	590
Gly Leu Thr Phe Val Ile Thr Gly Glu Leu Ser Arg Pro Arg Glu Glu				
	595		600	605
Val Lys Ala Leu Leu Arg Arg Leu Gly Ala Lys Val Thr Asp Ser Val				

610	615	620
Ser Arg Lys Thr Ser Phe Leu Val Val Gly Glu Asn Pro Gly Ser Lys		
625	630	635 640
Leu Glu Lys Ala Arg Ala Leu Gly Val Pro Thr Leu Ser Glu Glu Glu		
645	650	655
Leu Tyr Arg Leu Ile Glu Glu Arg Thr Gly Lys Asp Pro Arg Ala Leu		
660	665	670
Thr Ala		

<210> 2
 <211> 2025
 <212> DNA
 <213> Thermus sp.

<400> 2

atgaccctag	aggaggcccg	caggcgcgtc	aacgaactca	gggacctgat	ccgttaccac	60
aactacctct	attacgtctt	ggacgcccc	gagatctccg	acgccgagta	cgaccggctc	120
cttagggagc	ttaaggagct	ggaggagcgc	tttcccgagc	tcaaaagccc	cgactcccc	180
acggaacagg	tgggggagag	gcctctggag	gccaccttcc	gcccgggtgcg	ccaccccacc	240
cgcatgtact	ccctggacaa	cgccttttcc	ttggacgagg	tgagggcctt	tgaggagcgc	300
atagagcggg	ccctggggcg	gaaggggccc	ttcctctaca	ccgtggagcg	caaggtggac	360
ggtctttccg	tgaacctcta	ctacgaggag	ggcatcctcg	tctttggggc	cacccggggc	420
gacggggaga	ccggggagga	ggtgaccag	aacctcctca	ccatccccac	cattccccgc	480
cgcctcacgg	gcgttcggga	ccgcctcgag	gtccggggcg	aggtctacat	gcccatagag	540
gccttcctca	ggctcaacca	ggagctggag	gaggcggggg	agcgcactct	caaaaacccc	600
aggaacgccg	ccgccgggtc	cttgcggcag	aaagacccca	gggtcacggc	caggcggggc	660
ctgagggcca	ccttttacgc	cctggggctg	ggcctggagg	aaaccgggtt	aaaaagccag	720
cacgaccttc	tcctatggct	aagagagcgg	ggctttcccg	tggagcacgg	ctttaccggg	780
gccctggggg	cggagggggg	ggaggaggtc	taccaggcct	ggctcaagga	gaggcggaag	840
cttccctttg	aggccgacgg	ggtggtggtc	aagctggacg	acctcgccct	ctggcgggag	900
ctggggtaca	ccgcccgcac	ccccgccttc	gcctcgcct	acaagttccc	ggccgaggag	960
aaggagaccc	gcctcctctc	cgtggccttc	caggtggggc	ggaccggggc	catcaccccc	1020
gtgggcgttc	tggagcccgt	cttcatagag	ggcagcgagg	tgagccgggt	caccctccac	1080
aacgagagct	tcattgagga	gctggacgtg	cgcacgcggc	actgggtgct	ggtccacaag	1140
gcgggcgggg	tgattcccga	ggtgctgagg	gtcctgaaag	agcgcgcgac	cggggaggag	1200
aagcccatca	tctggcccga	gaactgcccc	gagtgcggcc	acgccctcat	caaggagggg	1260
aaggtccacc	gctgccccaa	ccccttgtgc	ccgccaagc	gctttgaggc	catccgccac	1320
tacgcctccc	gcaaggccat	ggacatccag	ggcctggggg	agaagctcat	agaaaagctt	1380
ctggaaaagg	gcctggtccg	ggacgtggcc	gacctctacc	gcctgaagaa	ggaggacctg	1440
gtgaacctgg	agcgcagggg	ggagaagagc	gcagagaacc	tcctccgcca	gatagaggag	1500
agcaagggcc	gcggcctgga	gcgcctcctt	tacgccttgg	gccttcccgg	ggtggggggg	1560
gtgctggccc	ggaacctggc	cctccgcttc	ggccacatgg	accgccttct	ggaggcgggc	1620

```

ctcgaggacc tcctggaggt ggaggggggtg ggcgagctca ccgcccgggc catcctgaat 1680
accctaaagg acccgaggtt ccgggacctg gtgcgccgcc tgaaggaggc cgggggtggag 1740
atggaggcca aagagcgga gggcgaggcc ttgaaggggc tcaccttcgt catcaccggg 1800
gagctttccc ggccccggga ggaggtgaag gccctcctta ggcggttg ggccaagggtg 1860
acggactcgg tgagccgcaa gacgagcttc ctggtggtgg gggagaacct ggggagcaag 1920
ctggaaaagg ccgcgcctt gggggtcccc accctgagcg aggaggagct ctaccgcctc 1980
attgaggaga ggacgggcaa ggacccaagg gccctcacgg cctag 2025

```

<210> 3

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or primer

<220>

<221> tRNA

<222> (4)

<223> w at position 4 can be T or A

<220>

<221> unsure

<222> (5)

<223> s at position 5 can be C or G

<220>

<221> unsure

<222> (12)

<223> s at position 12 can be C or G

<220>

<221> unsure

<222> (15)

<223> r at position 15 can be G or A

<220>

<221> unsure

<222> (18)

<223> y at position 18 can be T or C

<400> 3

atcwscgacg csgartayga

20

<210> 4

<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: protein

<400> 4
Ile Ser Asp Ala Glu Tyr Asp
1 5

<210> 5
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<220>
<221> unsure
<222> (3)
<223> s at position 3 can be C or G

<220>
<221> unsure
<222> (6)
<223> s at position 6 can be C or G

<220>
<221> unsure
<222> (8)
<223> k at position 8 can be G or T

<220>
<221> unsure
<222> (9)
<223> s at position 9 can be G or C

<220>
<221> unsure
<222> (12)
<223> s at position 12 can be G or C

<220>
<221> unsure

<222> (15)
<223> y at position 15 can be C or T

<220>
<221> unsure
<222> (18)
<223> r at position 18 can be A or G

<400> 5
ccsgtscksc csacytgraa

20

<210> 6
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<220>
<221> unsure
<222> (9)
<223> v at position 9 can be C, G, or A

<220>
<221> unsure
<222> (11)
<223> r at position 11 can be A or G

<220>
<221> unsure
<222> (12)
<223> y at position 12 can be T or C

<220>
<221> unsure
<222> (16)
<223> s at position 16 is C or G

<220>
<221> unsure
<222> (17)
<223> w at position 17 can be A or T

<220>
<221> unsure

<222> (18)

<223> s at position 18 can be G or C

<400> 6

gccttctcva ryttgswscc

20

<210> 7

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 7

Phe Gln Val Gly Arg Thr Gly

1

5

<210> 8

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 8

Gly Ser Lys Leu Glu Lys Ala

1

5

<210> 9

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 9

gcgatttcat atgaccctag aggaggcccg

30

<210> 10
 <211> 29
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: probe or
 primer

 <400> 10
 gcgggatccg aggccttgga gaagctctt 29

 <210> 11
 <211> 33
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: probe or
 primer

 <400> 11
 aaaaccctgt tccagcgtct gcggtgttgc gtc 33

 <210> 12
 <211> 30
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: probe or
 primer

 <400> 12
 agttgtcata gtttgatcct ctagtctggg 30

 <210> 13
 <211> 29
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: probe or
 primer

<400> 13
ccctgttcca gcgtctgcgg tggtgcgtt

29

<210> 14
<211> 59
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 14
gggacaaggt cgcagacgcc acaacgcagt caacagtatc aaactaggag atcagaccc 59

<210> 15
<211> 184
<212> PRT
<213> Thermus aquaticus

<220>
<221> UNSURE
<222> (18)..(120)
<223> Xaa at positions 18-120 is any amino acid

<220>
<221> UNSURE
<222> (126)..(172)
<223> Xaa at positions 126-172 is any amino acid

<400> 15
Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
1 5 10 15

Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65 70 75 80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
85 90 95

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
100 105 110

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Glu Glu Thr Gly Xaa Xaa Xaa
115 120 125

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
130 135 140

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
145 150 155 160

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Phe Glu Ala
165 170 175

Asp Gly Val Val Val Lys Leu Asp
180

<210> 16
<211> 187
<212> PRT
<213> Thermus flavus

<220>
<221> UNSURE
<222> (18)..(120)
<223> Xaa at positions 18-120 is any amino acid

<220>
<221> UNSURE
<222> (129)..(175)
<223> Xaa at positions 129-175 is any amino acid

<400> 16
Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
1 5 10 15

Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

50	55	60
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa		
65	70	75 80
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa		
	85	90 95
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa		
	100	105 110
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa		
	115	120 125
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa		
	130	135 140
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa		
	145	150 155 160
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa		
	165	170 175
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa		
	180	185
Phe Glu Ala Asp Gly Val Val Val Lys Leu Asp		

<210> 17
 <211> 184
 <212> PRT
 <213> Thermus filiformis

<220>
 <221> UNSURE
 <222> (18)..(120)
 <223> Xaa at positions 18-120 is any amino acid

<220>
 <221> UNSURE
 <222> (126)..(172)
 <223> Xaa at positions 126-172 is any amino acid

<400> 17																
Tyr	Thr	Val	Glu	His	Lys	Val	Asp	Gly	Leu	Ser	Val	Asn	Leu	Tyr	Tyr	
1				5				10					15			
Glu	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
				20				25					30			

Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
		35					40					45			
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
		50					55					60			
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
		65					70				75				80
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
				85					90					95	
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
				100					105					110	
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Leu	Glu	Glu	Ser	Gly	Xaa	Xaa	Xaa
				115				120				125			
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
				130				135				140			
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
						150				155				160	
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Pro	Phe	Glu	Ala
						165				170				175	
Asp	Gly	Val	Val	Val	Lys	Met	Asp								
						180									

<210> 18
 <211> 184
 <212> PRT
 <213> Thermus filiformis

<220>
 <221> UNSURE
 <222> (18)..(120)
 <223> Xaa at positions 18-120 is any amino acid

<220>
 <221> UNSURE
 <222> (126)..(172)
 <223> Xaa at positions 126-172 is any amino acid

<400> 18

<221> UNSURE

<222> (126)..(172)

<223> Xaa at positions 126-172 is any amino acid

<400> 19

Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
1 5 10 15

Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65 70 75 80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
85 90 95

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
100 105 110

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
115 120 125

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
130 135 140

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
145 150 155 160

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Phe Glu Ala
165 170 175

Asp Gly Val Val Val Lys Leu Asp
180

<210> 20

<211> 184

<212> PRT

<213> Thermus sp.

<220>

<221> UNSURE

<222> (18)..(120)

<223> Xaa at positions 18-120 is any amino acid

<220>

<221> UNSURE

<222> (126)..(172)

<223> Xaa at positions 126-172 is any amino acid

<400> 20

Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
1 5 10 15

Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65 70 75 80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
85 90 95

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
100 105 110

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
115 120 125

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
130 135 140

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
145 150 155 160

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Phe Glu Ala
165 170 175

Asp Gly Val Val Val Lys Leu Asp
180

<210> 21

<211> 184
 <212> PRT
 <213> Thermus sp.

<220>
 <221> UNSURE
 <222> (18)..(120)
 <223> Xaa at positions 18-120 is any amino acid

<220>
 <221> UNSURE
 <222> (126)..(172)
 <223> Xaa at positions 126-172 is any amino acid

<400> 21
 Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
 1 5 10 15

 Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 20 25 30

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 35 40 45

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 50 55 60

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 65 70 75 80

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 85 90 95

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 100 105 110

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 115 120 125

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 130 135 140

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 145 150 155 160

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 165 170 175

Asp Gly Val Val Val Lys Leu Asp
180

<210> 22
<211> 184
<212> PRT
<213> Thermus aquaticus

<220>
<221> UNSURE
<222> (18)..(120)
<223> Xaa at positions 18-120 is any amino acid

<220>
<221> UNSURE
<222> (126)..(172)
<223> Xaa at positions 126-172 is any amino acid

<400> 22
Tyr Thr Val Glu Arg Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
1 5 10 15

Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65 70 75 80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
85 90 95

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
100 105 110

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Glu Glu Thr Gly Xaa Xaa Xaa
115 120 125

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
130 135 140

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

145	150	155	160
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Phe Glu Ala			
165	170	175	

Asp Gly Val Val Val Lys Leu Asp
180

<210> 23
<211> 187
<212> PRT
<213> Thermus flavus

<220>
<221> UNSURE
<222> (18)..(120)
<223> Xaa at positions 18-20 is any amino acid

<220>
<221> UNSURE
<222> (129)..(175)
<223> Xaa at positions 129-175 is any amino acid

<400> 23
Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
1 5 10 15

Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65 70 75 80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
85 90 95

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
100 105 110

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Glu Glu Val Glu Arg Glu Gly
115 120 125

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
130 135 140

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
145 150 155 160

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro
165 170 175

Phe Glu Ala Asp Gly Val Val Val Lys Leu Asp
180 185

<210> 24

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Peptide

<220>

<221> VARIANT

<222> (2)

<223> X at position 2 is any amino acid

<400> 24

Lys Xaa Asp Gly

1